

---

# GENÉTICA

---

*Alejandro Salazar*

*Jacobo Ospina*

# GENÉTICA

## PRIMERA EDICIÓN

**Jacobo Ospina**

ASPAEN Gimnasio Horizontes

**Alejandro Salazar**

ASPAEN Gimnasio Horizontes

# Contenido Breve

## 1 Capítulo 1

---

### Patrones genéticos 5

- 1.1 Base de la herencia 5
- 1.2 Principios de la herencia 5
- 1.3 ¿Cómo se heredan los rasgos? 5
- 1.4 Herencia de genes situados en el mismo cromosoma 9
- 1.5 Herencia de genes ligados a cromosomas sexuales 9

## 2 Capítulo 2

---

### ADN 10

- 2.1 ¿Qué es? 10
- 2.2 Descubrimiento del ADN 10
- 2.3 Función del ADN 11
- 2.4 Codificación y expresión de información 11
- 2.5 Estructura 12
- 2.6 Replicación del ADN 13
- 2.7 Mutaciones 15

## 3 Capítulo 3

---

### ARN, Transcripción y traducción 16

- 3.1 Información del ADN en la célula 16
- 3.2 Comparación del ADN y el ARN 16
- 3.3 Transcripción 17
- 3.4 Traducción 18



# Prefacio

En los últimos años se ha presentado una gran evolución tecnológica y de conocimientos frente al tema de la genética y la herencia. Cada vez se conoce más sobre estos temas, haciendo posible la modificación genética, por ejemplo.

La genética ya no es un área de estudio “inalcanzable”, de hecho hay cada vez más estudios e investigaciones trabajando con esta.

Es un tema de mucha importancia para la humanidad, pues al comprender cómo se transmite la herencia biológica de generación en generación mediante el ADN, se puede llegar a trabajar con la manipulación del mismo para lograr avances en el campo de la ciencia para el beneficio de los ecosistemas y del ser humano, en particular.

En esta edición nos esforzamos por:

- Presentar la información del ámbito de la genética de tal manera que se refuerce la cultura científica de los estudiantes.
- Inspirar a los estudiantes a maravillarse de la complejidad de la información genética y de lo mucho que se desconoce de ella aún, lo cual favorecerá una vida de estudio y descubrimiento.
- Enriquecer el aprendizaje de los estudiantes al servir como herramienta de consulta y de estudio.

# Semblanza de los autores

## Alejandro Salazar

Mi nombre es Alejandro Salazar Peñuela y nací en Manizales, Colombia el 16 de febrero del año 2003. Viví con mis padres

por un tiempo en Chinchiná; pero por razones personales volvimos a Manizales.

Desde pequeño me ha gustado el deporte y me considero una persona muy atlética. Soy nadador de la Liga de Caldas. Aunque el deporte consume mucho de mi tiempo, pienso que me beneficia enormemente, pues no solo me fortalece físicamente: me ayuda a tener virtudes y valores. Entre ellas, la disciplina. También toco la batería en una banda conformada por mis amigos del salón y yo. Me gusta mucho la música.

Siempre he sido dedicado y me ha ido bien en el colegio gracias al apoyo y las enseñanzas de mi familia. En este momento estoy terminando quinto de bachillerato y apuntando a ingresar a una buena universidad. Quiero estudiar medicina y confío en que lo voy a



## Jacobo Ospina

Mi nombre es Jacobo Ospina Cardona y nací en Manizales, Colombia el 22 de abril del 2004.

Siempre me ha gustado mucho el dibujo, la pintura y todo lo que tiene que ver con las artes. Me parece increíble todo lo que una ilustración o una canción pueden transmitir.

Me gusta mucho estudiar y en este momento estoy cursando quinto de bachillerato. Me encantaría graduarme y entrar a estudiar Ingeniería Civil, que es una carrera que desde muy chico me ha llamado la atención, y que, además, si lo quiero lograr debo tener mucho esfuerzo y dedicación.



# I

## - Patrones genéticos -

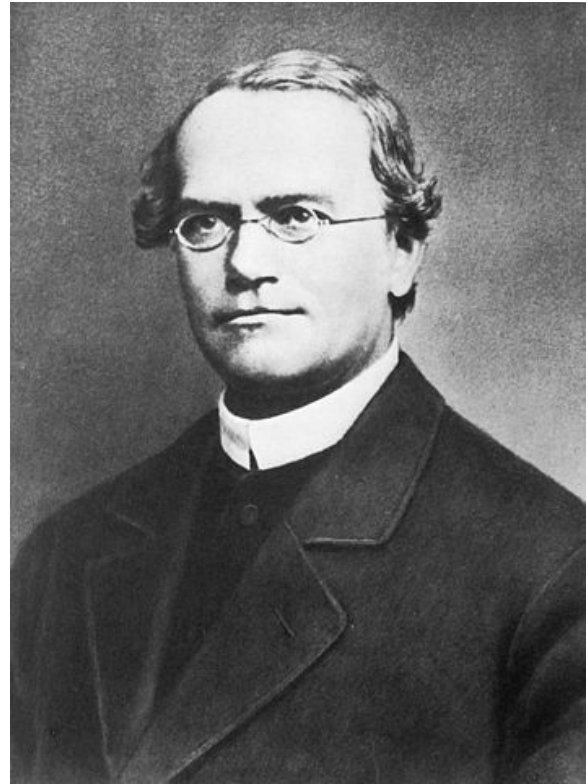
La herencia es el proceso por el que se transmiten las características de los organismos a su descendencia.

### 1.1 Base de la herencia

Las unidades de la herencia son los genes, que son segmentos de ADN ubicados en lugares específicos de los cromosomas. Los genes pueden aparecer en dos o más formas ligeramente diferentes llamadas alelos. Cuando los dos cromosomas homólogos llevan el mismo alelo en un locus, el organismo es homocigoto para ese gen. Cuando dos cromosomas homólogos tienen diferentes alelos en un locus, el organismo es heterocigoto.

### 1.2 Principios de la herencia

Gregorio Mendel postuló muchos principios de la herencia a mediados del siglo XIX, antes de que se descubrieran el ADN, los genes, los cromosomas o la meiosis. Para ello, escogió el objeto experimental correcto, diseñó cuidadosamente sus experimentos, siguió a la descendencia durante varias generaciones y analizó estadísticamente los datos.



### 1.3 ¿Cómo se heredan los rasgos?

Un rasgo es un elemento observable o medible del fenotipo del organismo, como la textura del cabello o el tipo de la sangre.

Primero tenemos que diferenciar los rasgos en únicos y múltiples para estudiarlos más a fondo.

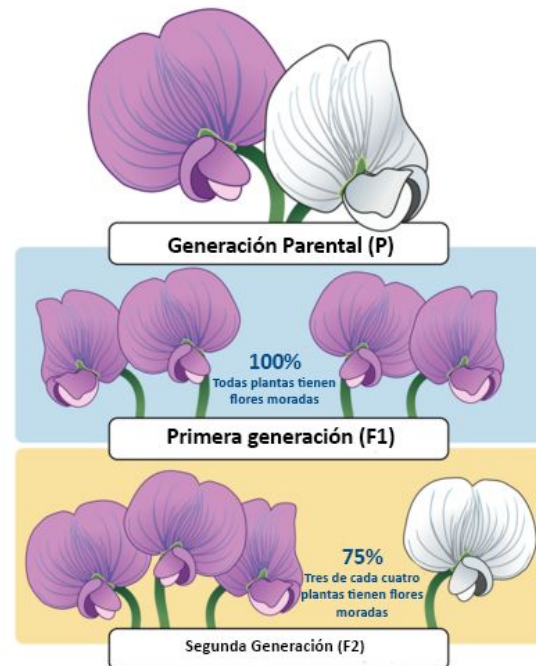
#### *-Rasgos únicos-*

Para estudiar la herencia, hay que comenzar con organismos que tengan rasgos o características fáciles de identificar y que sean transmitidos constantemente entre las generaciones. Se llaman a los organismos de raza pura cuando tienen algún rasgo específico, como flores azules, que siempre heredan sin alteraciones todos los

descendientes producidos por el proceso de autopolinización.

En un experimento, Mendel realizó una fecundación cruzada de plantas con flores blancas y otras con flores moradas, ambas de raza pura. Cuando cultivó las semillas producidas, encontró que todos los descendientes de la primera generación producían flores moradas. Nace la pregunta ¿Qué pasa con el color blanco? Las flores de los descendientes eran tan moradas como las de sus padres. El color blanco había desaparecido de esa generación.

Mendel dejó que esta nueva generación de flores de autopolinizaran, recogió las semillas y las plantó. En esta segunda generación Mendel encontró que aproximadamente tres cuartas partes de las flores eran moradas y una cuarta parte era de flores blancas. Este resultado mostró que la capacidad de producir flores blancas no desapareció de las primeras plantas de la generación filial, sino que se había “ocultado”.



Los resultados de Mendel, complementados por los conocimientos modernos sobre los genes y cromosomas homólogos, permiten postular una hipótesis en cinco partes para explicar la herencia de rasgos únicos.

- Cada rasgo está determinado por pares de unidades físicas individuales llamadas genes. Cada organismo tiene dos alelos para cada gen, uno en cada cromosoma homólogo. Las plantas de chícharos con flores blancas de raza pura tienen diferentes alelos del gen del color de las flores de las plantas de chícharo con flores moradas de raza pura.
- Cuando hay dos alelos en un organismo, uno (el alelo dominante) puede enmascarar la

expresión del otro (el alelo recesivo); Sin embargo, el alelo recesivo sigue presente. En el chícharo comestible, el alelo de las flores moradas es el dominante y el alelo de las flores blancas, el recesivo.

- Los pares de alelos de los cromosomas homólogos se separan al azar en la meiosis, la distribución de los alelos a los gametos es también aleatoria.
- Los organismos de raza pura tienen dos copias del mismo alelo para un gen dado y, por tanto, son homocigotos para ese gen. Todos los gametos homocigotos para ese gen. Todos los gametos de un individuo homocigoto reciben el mismo alelo para ese gen. Los organismos híbridos tienen dos alelos para un gen y, por consiguiente, son heterocigotos para ese gen. La mitad de los gametos heterocigotos contiene un alelo para ese gen y la otra mitad contiene el otro alelo.

Los rasgos son heredados en esquemas particulares que dependen de los alelos que los padres heredan a sus hijos. Cada progenitor aporta a su descendencia un alelo de cada gen, de modo que hereda un par de alelos para cada gen. La combinación de alelos en un hijo determina si exhibe un fenotipo particular. Los alelos dominantes enmascaran la expresión de los alelos

recesivos. El enmascaramiento de los alelos recesivos puede dar por resultado organismos con el mismo fenotipo, pero diferentes genotipos. Los organismos con dos alelos dominantes (homocigotos dominantes) tienen el mismo fenotipo que los organismos con un alelo dominante y otro recesivo (heterocigotos). Como cada alelo se segrega al azar durante la meiosis, podemos predecir las proporciones de los descendientes con un rasgo en particular mediante un cuadrado de Punnett o el cálculo de probabilidades.

#### *-Rasgos múltiples-*

Después de haber determinado las modalidades de la herencia de rasgos únicos, Mendel pasó a la más compleja cuestión de la herencia de rasgos múltiples en las plantas de chícharos. Para empezar, cruzó plantas que variaban en dos rasgos; por ejemplo, el color y la forma de la semilla. De otras cruces de plantas con estos rasgos, Mendel ya sabía que el alelo liso de la forma de la semilla (S) es dominante sobre el alelo rugoso (s) y que el alelo amarillo del gen del color de la semilla (Y) es dominante sobre el alelo verde (y). Cruzó una planta de raza pura de semillas lisas amarillas (SSYY) con una planta de raza pura de semillas rugosas verdes (ssyy). La planta SSYY produjo únicamente gametos SY y la planta ssyy produjo únicamente gametos sy. Por tanto, todos los descendientes fueron heterocigotos: genotípicamente SsYy,



con el fenotipo de las semillas lisas amarillas.

Al hacer que estas plantas heterocigotas se auto fecundaran, Mendel vio que la otra generación constó de 315 plantas con semillas lisas amarillas, 101 con semillas rugosas amarillas, 108 con semillas lisas verdes y 32 con semillas rugosas verdes: una proporción de aproximadamente 9:3:3:1. La descendencia producida por otras cruza de plantas heterocigotas para dos rasgos también daba proporciones fenotípicas de alrededor de 9:3:3:1.

Mendel se dio cuenta de que estos resultados se explicarían si los genes del color y de la forma de las semillas se heredaban de forma independiente y si no se influían unos a otros durante la formación de los gametos. De ser así, y para cada rasgo, tres cuartas partes de la descendencia mostrarían el fenotipo dominante y un cuarto mostraría el fenotipo recesivo. Este resultado fue lo que observó Mendel. Obtuvo 423 plantas con semillas lisas (de cualquier color) y 133 con semillas rugosas (una proporción de 3:1); en este mismo grupo de plantas, 416 produjeron semillas amarillas (de cualquier forma) y 140 produjeron semillas verdes (también alrededor de 3:1). En la se explica cómo trazar un cuadro de Punnett o cómo calcular probabilidades para determinar el resultado de una cruce entre organismos que son heterocigotos para dos rasgos.

La herencia independiente de dos o más rasgos se llama ley de la distribución

independiente. Los rasgos múltiples se heredan de forma independiente si los alelos de un gen están distribuidos en los gametos separados de los alelos de otros genes. Se produce una distribución independiente cuando los rasgos que se estudian están controlados por genes de diferentes pares de cromosomas homólogos.

Si los genes de dos rasgos se encuentran en cromosomas separados, sus alelos se distribuyen de forma independiente uno de otro en el óvulo o el espermatozoide; es decir, la distribución de los alelos de un gen en los gametos no afecta la distribución de los alelos del otro gen. Así, cruzar dos organismos que son heterocigotos en dos lugares de cromosomas separados produce descendientes con nueve genotipos diferentes. Si los alelos son característicamente dominantes o recesivos, esta progenie exhibirá únicamente cuatro fenotipos.

	Rasgo Dominante	Rasgo Recesivo
<b>Forma de la semilla</b>	lisa 	arrugada 
<b>Color de la semilla</b>	amarilla 	verde 
<b>Forma de la vaina</b>	hinchada 	contraída 
<b>Color de la vaina</b>	verde 	amarilla 
<b>Color de la flor</b>	púrpura 	blanca 
<b>Ubicación de la flor</b>	en las uniones de las hojas 	en las puntas de las ramas 
<b>Tamaño de la planta</b>	alta (1.8 a 2 m) 	enana (0.2 a 0.4 m) 

## 1.4 Herencia de genes situados en el mismo cromosoma

Los genes del mismo cromosoma (codificados en la misma doble hélice de ADN) están unidos y, por tanto, se heredan juntos. Sin embargo, por entrecruzamiento se produce alguna recombinación de los alelos de cada cromosoma. El entrecruzamiento es más frecuente cuanto más alejados estén los genes en los cromosomas.

Determinación del sexo genéticamente

En muchos animales, el sexo está determinado por cromosomas sexuales, frecuentemente designados con X y Y. En los mamíferos, las hembras tienen dos cromosomas X, mientras que los machos tienen un cromosoma X y un cromosoma Y. Los demás cromosomas, idénticos en los dos sexos, se llaman autosomas. Los machos tienen un cromosoma X o Y en los espermatozoides, mientras que las hembras siempre llevan un cromosoma X en los óvulos. Por tanto, el sexo está determinado por el cromosoma sexual del espermatozoide que fecunda un óvulo.

## 1.5 Herencia de genes ligados a cromosomas sexuales

Los genes ligados a los cromosomas sexuales se encuentran en el cromosoma X o en el cromosoma Y. En los mamíferos, el cromosoma Y tiene muchos menos genes que el cromosoma X, así que casi todos los genes ligados a los cromosomas sexuales se encuentran

en el cromosoma X. Como los machos tienen sólo una copia de genes del cromosoma X, es más probable que los rasgos recesivos del cromosoma X se expresen fenotípicamente en los machos.

## II - ADN -

### 2.1 ¿Qué es?

El ADN, en una definición resumida “son las instrucciones que se pasan de los organismos adultos a sus descendientes durante la reproducción”.



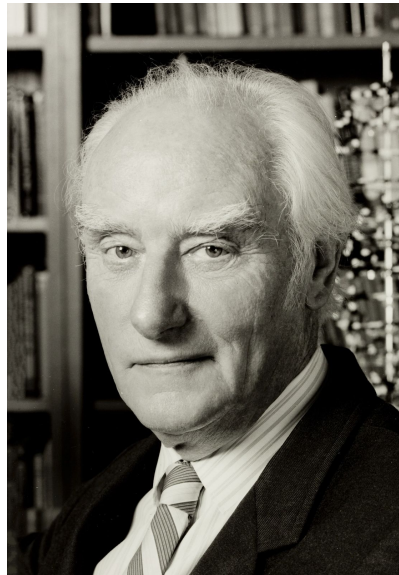
### 2.2 Descubrimiento del ADN

El primero en observar el ADN fue el suizo Friedrich Miescher, a finales del siglo XIX. Sin embargo, pasó casi un siglo hasta que los investigadores entendieron la estructura de la molécula y se dieron cuenta de su importancia para la biología.



Por muchos años, los científicos debatieron qué molécula portaba las instrucciones biológicas de la vida. La mayoría pensaba que el ADN era demasiado sencillo para desempeñar un papel tan importante. En vez de esto, argumentaban que era más probable que las proteínas desempeñaran esta función vital debido a su mayor complejidad y más amplia variedad de formas.

La importancia del ADN se aclaró gracias a la labor de James Watson, Francis Crick, Maurice Wilkins y Rosalind Franklin. Al estudiar patrones de difracción de rayos X y construir modelos, los científicos descifraron la estructura de doble hélice de la molécula, una estructura que permite pasar información biológica de una generación a otra.



### 2.3 Función del ADN

El ADN contiene las instrucciones que un organismo necesita para desarrollarse, sobrevivir y reproducirse. Para realizar estas funciones, las secuencias de ADN deben ser transcritas a mensajes que puedan traducirse para fabricación proteínas,

que son las moléculas complejas que hacen la mayor parte del trabajo en nuestro cuerpo.

Una secuencia discreta de ADN que contiene las instrucciones para elaborar una proteína se conoce como gen. El tamaño de un gen puede variar enormemente, desde aproximadamente 1,000 bases hasta 1 millón de bases en los seres humanos. Los genes sólo forman aproximadamente el 1 por ciento de la secuencia de ADN. Otras secuencias reguladoras de ADN dictan cuándo, cómo y en qué cantidad se elabora cada proteína. La mayoría de las secuencias del genoma humano no tienen una función conocida.

### 2.4 Codificación y expresión de información

La información está guardada en el código de secuencia de bases Adenina, Timina, Citosina y Guanina que se combinan para originar genes. Los



genes son fragmentos de ADN cuya secuencia nucleotídica codifica para una proteína. Es decir que a partir de la información “escrita” en ese fragmento de ADN se sintetiza un tipo específico de proteína. Aunque los genes también llevan la información necesaria para fabricar moléculas de ARN (ribosomal y de transferencia) que intervienen en el proceso de síntesis de proteínas.

Un gen no es una estructura que se vea, se define a nivel funcional. Es una secuencia que empieza en algún lugar del ADN y termina en otro. Para conocer un gen se secuencia, se determina la cantidad de los nucleótidos que lo forman y el orden en que se ubican.

Todas las células de un organismo tienen el mismo genoma. Pero, en cada célula se expresan los genes usados. Por ejemplo, aunque una célula de la piel tiene toda la información genética, al igual que la célula del hígado, en la piel solo se expresarán aquellos genes que den características de piel, mientras que los genes que dan características de hígado, estarán “apagados”. Por el contrario, los genes que dan rasgos de “hígado” estarán activos en el hígado e inactivos en la piel. Lo que no se usa se encuentra mayormente compactado.

## 2.5 Estructura

El ADN consta de cuatro pequeñas unidades llamadas nucleótidos. Cada nucleótido del ADN tiene tres partes: Un grupo fosfato, un azúcar o pentosa llamado desoxirribosa y una de cuatro

bases nitrogenadas: adenina, guanina, timina o citosina.

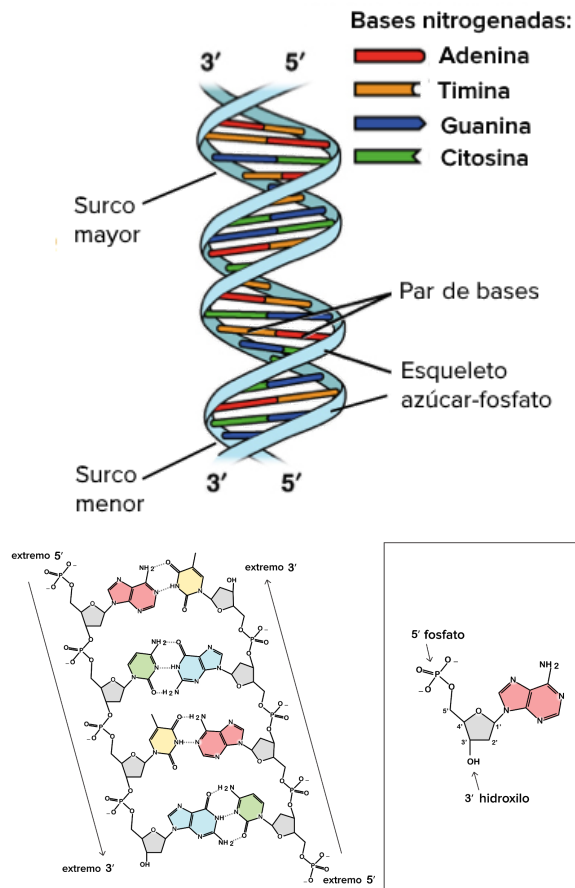
En la década de los 40, cuando el bioquímico Erwin Chargaff analizó las cantidades de las cuatro bases del ADN de organismos tan diversos como bacterias, morsas, peces y seres humanos, vio que mostraban una curiosa constancia. El ADN de cualquier especie tenía las mismas cantidades de adenina y timina, así como las mismas cantidades de guanina y citosina. Esta constancia que se conoce como la “regla de Chargaff”, pareció ser importante, pero pasaría casi otra década hasta que alguien entendiera lo que significaba con respecto a la estructura del ADN.

No es tarea fácil determinar la estructura de cualquier molécula biológica, ni siquiera para científicos contemporáneos. Sin embargo, a finales de la década de los 40 varios científicos comenzaron a investigar la estructura del ADN. Los científicos ingleses Maurice Wilkins y Rosalind Franklin aplicaron el método de la difracción por rayos X al estudio de la molécula de ADN. Bombardearon cristales de ADN purificado con rayos X y tomaron nota de cómo rebotaban los rayos en la molécula de ADN. El patrón de difracción no suministra una imagen directa de la estructura del ADN. Sin embargo, expertos como Wilkins y Franklin supieron extraer mucha información sobre el ADN. En primer lugar, una molécula de ADN es larga y delgada, con un diámetro uniforme de unos dos nanómetros. Segundo, el ADN

es helicoidal, es decir, está “torcido”. Tercero, la molécula del ADN consta de unidades que se repiten.

Hoy en día ya se tienen muchos más conocimientos y, gracias a los trabajos e investigaciones de personas como James Watson, Francis Crick, Maurice Wilkins y Rosalind Franklin, se ha podido establecer lo siguiente acerca de la estructura del ADN:

El ADN consta de nucleótidos que están unidos en largas hebras. Cada nucleótido consta, como ya lo vimos, de un grupo fosfato, azúcar desoxirribosa de cinco carbonos y una base nitrogenada. El azúcar de un nucleótido se une con el fosfato del siguiente nucleótido para formar una columna de Azúcar y ácido fosfórico para cada hebra. Las bases se proyectan de esta columna. Dos hebras de nucleótidos giran un alrededor de la otra y componen la doble hélice de ADN. La columna de azúcar y ácido fosfórico forma los lados de la escalera. Las bases de cada hebra se emparejan a la mitad de la hélice, unidas por puentes de hidrógeno. En la hélice solamente se pueden unir pares de bases complementarias. La guanina se une a la citosina y la adenina con la timina.



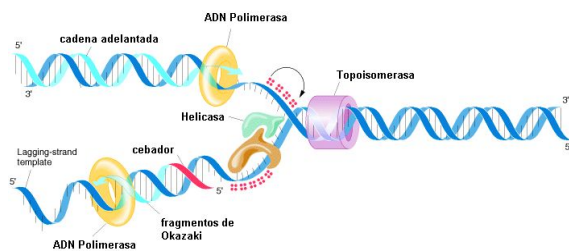
## 2.6 Replicación del ADN

La replicación da lugar a dos moléculas idénticas de ADN.

La replicación es semiconservativa, con cada cadena parental actuando como molde para la síntesis de una nueva cadena complementaria. Primero, el ADN se desenrolla con la ayuda de la girasa y se rompen los puentes de hidrógeno entre las cadenas, este proceso es ayudado por la helicasa. Las proteínas enlazantes a cadena sencilla SSBs evitan que las cadenas se vuelvan a unir. Esto genera una burbuja de replicación, las cuales se forman en múltiples lugares a lo largo de la

molécula de ADN, aumentando la velocidad de la replicación.

Una vez que las cadenas han sido desenrolladas y separadas, la ADN polimerasa puede comenzar a construir una nueva cadena.



### *Hebra conductora*

Es la nueva cadena que crece de modo continuo hacia la horquilla de replicación.

La ADN polimerasa construye la nueva cadena en dirección 5' a 3'. Sin embargo, esta enzima no puede iniciar una nueva cadena, solo puede prolongar una cadena preexistente. La ARN primasa coloca los primeros nucleótidos de la cadena nueva, el segmento resultante de ARN cebador proporciona un extremo 3' libre al cual la ADN polimerasa se puede enlazar y ahora puede colocar los nucleótidos a medida que se desplaza a lo largo de la cadena molde. La ADN polimerasa lee la cadena molde en dirección 3' a 5', mientras que construye la nueva cadena en la dirección 5' a 3'.

La hélice continúa desarrollándose y abriéndose, permitiendo a la hebra conductora crecer de modo continuo en la dirección de la horquilla de replicación.

Más tarde un tipo distinto de ADN polimerasa reemplaza el cebador de ARN por ADN.

La nueva cadena de ADN se forma de la siguiente manera: Todo el proceso por el que se forman las nuevas cadenas es conocido como la polimerización, y el proceso que se lleva a cabo para polimerizarse las nuevas cadenas de ADN es el siguiente:

La energía se libera, el fosfato se une al grupo OH libre, Se forman puentes de hidrógeno entre los nucleótidos.

### *Hebra rezagada*

Es la nueva cadena que crece de modo discontinuo alejándose de la horquilla de replicación.

Primero, La ARN primasa añade un fragmento de ARN cebador entonces, la ADN polimerasa comienza a sintetizar la nueva cadena de ADN. Antes de que pueda continuar la síntesis de la hebra rezagada, la hélice debe continuar desarrollándose así, la hebra rezagada se sintetiza de manera discontinua. Otra vez, ARN primasa comienza una nueva cadena. Los tramos discontinuos se denominan fragmentos de Okazaki. Al igual que en la hebra conductora, una ADN polimerasa diferente cambia el cebador de ARN por ADN, entonces, una ligasa sella la unión entre los fragmentos discontinuos de ADN y así continúa la replicación a lo largo de la hebra rezagada, sintetizando fragmentos a medida que la hélice se desenrolla.

La nueva cadena es una copia exacta de la otra cadena parental.

Las burbujas de replicación continúan creciendo hasta llegar a unirse y formando, finalmente, dos moléculas completas de ADN.

## 2.7 Mutaciones

Son cambios en la secuencia de bases del ADN. La ADN polimerasa y otras enzimas de reparación “revisan” el ADN y reducen al mínimo los errores producidos en la replicación, pero pueden llegar a ocurrir otros cambios en las bases como resultado de la radiación o del daño de ciertos compuestos químicos. Las mutaciones son por: sustitución, inserción, supresión, inversión y translocación. Casi todas las mutaciones son perjudiciales o neutras, pero algunas son benéficas y pueden ser favorecidas por selección natural.



### III

## - ARN, Transcripción y traducción -

### 3.1 Información del ADN en la célula

Los genes son segmentos de ADN que pueden transcribirse en ARN y, casi todos, traducirse en proteínas. La transcripción produce tres tipos de ARN necesarios para la traducción: ARN mensajero (ARNm), ARN de transferencia (ARNt) y ARN ribosómico (ARNr). El ARN mensajero lleva la información genética de un gen del núcleo al citoplasma, donde los ribosomas sintetizan una proteína con esa información. Los ribosomas contienen 1 ARNr y proteínas organizadas en subunidades mayor y menor. Hay muchos ARNt. Cada ARNt se enlaza con un aminoácido específico y lo lleva a un ribosoma para que se incorpore en una proteína. El código genético consta de codones, secuencias de tres bases en el ARNm que especifican un aminoácido de la cadena proteínica o bien el final de la síntesis de la proteína (codón de término).

### 3.2 Comparación del ADN y el ARN

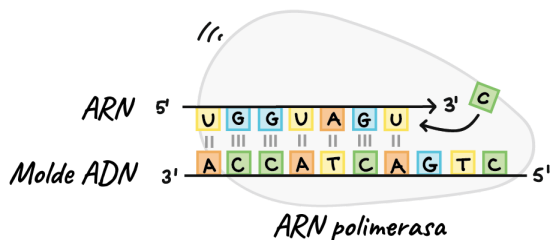
	ADN	ARN
<b>Hebras</b>	2	1
<b>Azúcar</b>	Desoxirribosa	Ribosa
<b>Tipos de bases</b>	adenina, timina, citosina y guanina	adenina, uracilo, citosina y guanina
<b>Pares de bases</b>	ADN-ADN A-T T-A C-G G-C	ARN-ADN A-T U-A C-G G-C  ARN-ARN A-U U-A C-G G-C
<b>Función</b>	Contiene genes: la secuencia de las bases en la mayor parte de los genes determina la secuencia de aminoácidos de una proteína	ARN mensajero: transporta el código del gen codificador de proteínas de ADN a los ribosomas ARN ribosómico: se combina con proteínas para formar ribosomas, las estructuras que enlazan los aminoácidos para formar una proteína ARN de transferencia: lleva aminoácidos a los ribosomas

### 3.3 Transcripción

En la transcripción, la secuencia de ADN de un gen se transcribe para hacer una molécula de ARN.

La transcripción es el primer paso de la expresión génica, el proceso por el cual la información de un gen se utiliza para generar un producto funcional, como una proteína. El objetivo de la transcripción es producir una copia de ARN de la secuencia de ADN de un gen. En el caso de los genes codificantes, la copia de ARN, o transcrito, contiene la información necesaria para generar un polipéptido (una proteína o la subunidad de una proteína). Los transcritos eucariontes necesitan someterse a algunos pasos de procesamiento antes de traducirse en proteínas.

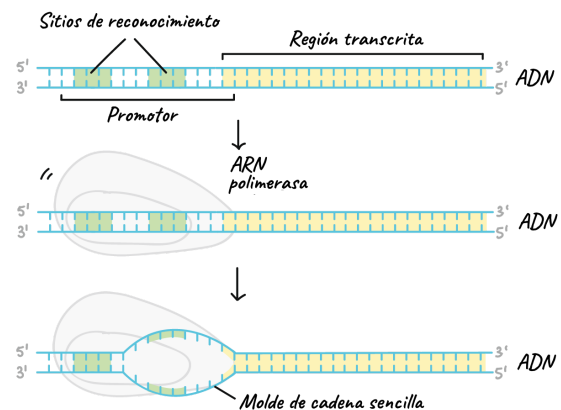
La principal enzima que participa en la transcripción es la ARN polimerasa, la cual utiliza un molde de ADN de cadena sencilla para sintetizar una cadena complementaria de ARN. Específicamente, la ARN polimerasa produce una cadena de ARN en dirección de 5' a 3', al agregar cada nuevo nucleótido al extremo 3' de la cadena.



La transcripción de un gen ocurre en tres etapas: iniciación, elongación y terminación.

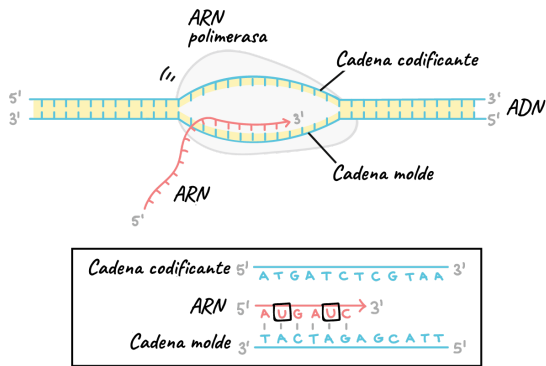
#### -Iniciación-

La ARN polimerasa se une a una secuencia de ADN llamada promotor, que se encuentra al inicio de un gen. Cada gen (o grupo de genes co-transcritos en bacterias) tiene su propio promotor. Una vez unida, la ARN polimerasa separa las cadenas de ADN para proporcionar el molde de cadena sencilla necesario para la transcripción.



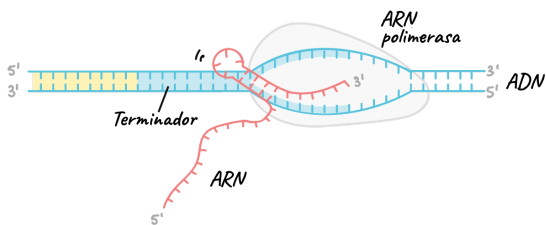
#### -Elongación-

Una cadena de ADN, la cadena molde, actúa como plantilla para la ARN polimerasa. Al "leer" este molde, una base a la vez, la polimerasa produce una molécula de ARN a partir de nucleótidos complementarios y forma una cadena que crece de 5' a 3'. El transcrito de ARN tiene la misma información que la cadena de ADN contraria a la molde (codificante) en el gen, pero contiene la base uracilo (U) en lugar de timina (T).



### -Terminación-

Las secuencias llamadas terminadores indican que se ha completado el transcrito de ARN. Una vez transcritas, estas secuencias provocan que el transcrito sea liberado de la ARN polimerasa. A continuación se ejemplifica un mecanismo de terminación en el que ocurre la formación de un tallo-asa en el ARN.



## 3.4 Traducción

En esta etapa el ARNm se "decodifica" para construir una proteína que contiene una serie de aminoácidos en específico.

### -El código genético-

Durante la traducción, una célula "lee" la información contenida en el ARN mensajero y la usa para construir una proteína. En realidad, y para ser un poco más técnico, un ARNm no siempre codifica o proporciona las instrucciones para una proteína completa, sino que

podemos decir con fiabilidad que siempre codifica para un polipéptido o una cadena de aminoácidos.

En un ARNm, las instrucciones para construir un polipéptido son los nucleótidos de ARN (A, U, C, y G), que se leen en grupos de tres. Estos grupos de tres se conocen como codones.

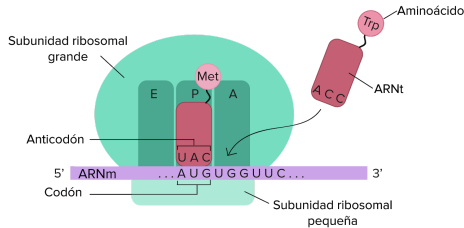
Hay 61 codones para los aminoácidos, y cada uno se "lee" para especificar un cierto aminoácido de los 20 que se encuentran comúnmente en las proteínas. Un codón, AUG, especifica el aminoácido metionina y también actúa como un codón de inicio para señalar el comienzo de la construcción de la proteína.

		Segunda letra				
		U	C	A	G	
Primera letra	U	UUU } Phe UUC } UUA } UUG } Leu	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA Alto UAG Alto	UGU } Cys UGC } UGA Alto UGG Trp	U C A G
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G
	A	AUU } AUC } Ile AUA } <b>AUG Met</b>	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G
		Tercera letra				

### -ARN de transferencia-

Los ARNt, son "puentes" moleculares que conectan los codones del ARN con aminoácidos para los que codifican. Un extremo de cada ARNt tiene una secuencia de tres nucleótidos llamada anticodón, que se puede unir a codones del ARNm en específico. El otro extremo de ARNt lleva los aminoácidos que especifican los codones.

Hay muchos tipos de ARNt. Cada tipo lee uno o unos pocos codones y lleva el aminoácido correcto que corresponde a esos codones.



### -Ribosomas-

Los ribosomas son las estructuras donde se construyen los polipéptidos (proteínas). Se componen de proteínas y ARN (ARN ribosomal o ARNr). Cada ribosoma tiene dos subunidades, una grande y una pequeña, que se reúnen alrededor de un ARNm, algo parecido a las dos mitades de un pan para hamburguesa que se reúnen alrededor de la torta de carne.

El ribosoma proporciona un conjunto de espacios útiles o huecos donde los ARNt pueden encontrar sus codones correspondientes en la plantilla del ARNm y entregar sus aminoácidos. Estos huecos se llaman los sitios A, P y E. Pero además el ribosoma actúa como una enzima que cataliza la reacción química que une los aminoácidos para formar una cadena.

### -Iniciación-

El ribosoma se ensambla alrededor del ARNm que se leerá y el primer ARNt (que lleva el aminoácido metionina y que corresponde al codón de iniciación AUG). Este conjunto, conocido como

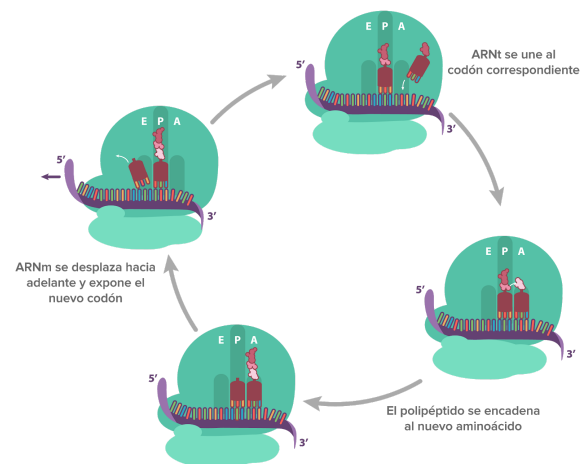
complejo de iniciación, se necesita para que comience la traducción.

### -Elongación-

Es la etapa donde la cadena de aminoácidos se extiende. En la elongación, el ARNm se lee un codón a la vez, y el aminoácido que corresponde a cada codón se agrega a la cadena creciente de proteína.

Cada vez que un codón nuevo está expuesto:

- Un ARNt correspondiente se une al codón
- La cadena de aminoácidos existente (polipéptido) se une al aminoácido del ARNt mediante una reacción química.
- El ARNm se desplaza un codón sobre el ribosoma, lo que expone un nuevo codón para que se lea.



Durante la elongación, los ARNt pasan por los sitios A, P, y E como se muestra arriba. Este proceso se repite muchas veces conforme se leen los nuevos codones y se agregan los nuevos aminoácidos a la cadena.



### *-Terminación-*

La terminación es la etapa donde la cadena polipeptídica completa es liberada. Comienza cuando un codón de terminación (UAG, UAA o UGA) entra al ribosoma, lo que dispara una serie de eventos que separa la cadena de su ARNt y le permite flotar hacia afuera.

Después de la terminación, es posible que el polipéptido todavía necesite tomar la forma tridimensional correcta, se someta a procesamiento (tal como el retiro de aminoácidos), sea enviado a la parte correcta en la célula, o se combine con otros polipéptidos antes de que pueda hacer su trabajo como una proteína funcional.

# Referencias

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. y Walter, P. (2002). Post Transcriptional controls (Controles postranscripcionales). En *Molecular biology of the cell*. Nueva York, Garland Science. Consultado en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK26890/>.
- Berger, Shanna. (2006). Eukaryotic transcription (Transcripción eucarionte). En *Transcription and RNA polymerase II*. Consultado en <http://www.chem.uwec.edu/Webpapers2006/sites/bergersl/pages/eukaryotic.html>.
- Boundless (2016). El inicio de la transcripción en eucariontes. En *Boundless biology*. Consultado en <https://www.boundless.com/biology/textbooks/boundless-biology-textbook/genes-and-proteins-15/eukaryotic-transcription-108/initiation-of-transcription-in-eukaryotes-445-11670/>.
- Brown, T. A. (2002). Ensamblaje del complejo de inicio de la transcripción. En *Genomes*. Oxford, UK: Wiley-Liss. Consultado en [www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21115/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21115/).
- Purves, W. K., Sadava, D. E., Orians, G. H. y Heller, H.C. (2004). Transcripción: síntesis de ARN dirigida por ADN. En *Life: the science of biology* (7° ed., págs. 237-239). Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Raven, P. H., Johnson, G. B., Mason, K. A., Losos, J. B. y Singer, S. R. (2014). Los genes y cómo funcionan. En *Biology* (10° ed., AP ed., pp. 278-303). Nueva York, NY: McGraw-Hill.
- Reece, J. B., Urry, L. A., Cain, M. L., Wasserman, S. A., Minorsky, P. V. y Jackson, R. B. (2011). La transcripción es la síntesis de ARN dirigida por el ADN: una revisión más profunda). En *Campbell biology* (10° ed., págs. 340-342). San Francisco, CA: Pearson.
- Auderisk, Teresa. Audesirk, Gerald. Byers, Bruce (2013). *Biología. La vida en la Tierra Con fisiología* (Novena edición). Pearson Educación de México, S.A de C.V., México.

Griffiths, A. J. F., Miller, J. H., Suzuki, D. T., Lewontin, R. C. y Gelbart, W. M. (2000). La transcripción y la ARN polimerasa. En *An introduction to genetic analysis* Nueva York, NY: W. H. Freeman. Consultado en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22085/>.

Cooper, G. M. (2000). Traducción del ARNm. En *The cell: a molecular approach*. (2° ed.). Consultado en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK9849/>.

OpenStax College, Biología. (30 de septiembre de 2015). Ribosomas y síntesis de proteínas. En *OpenStax CNX*. Consultado en <https://cnx.org/contents/s8Hh0oOc@8.57:FUH9XUkW@6/Translation>.

OpenStax College, Biología. (s.f.). Traducción. En *OpenStax CNX*. Consultado en <http://philschatz.com/biology-concepts-book/contents/m45479.html>.

Purves, W.K., Sadava, D., Orians, G.H. y Heller, H.C. (2004). De ADN a proteína: de genotipo a fenotipo. *Vida: la ciencia de la biología* (7° ed., págs. 233-256). Sunderland, MA: Sinauer Associates.

Reece, J. B., Urry, L. A., Cain, M. L., Wasserman, S. A., Minorsky, P. V., y Jackson, R. B. (2011). La traducción es la síntesis de un polipéptido dirigida por ARN: una visión más cercana. En *Campbell biology* (10a ed., pp. 345-353). San Francisco, CA: Pearson.